

## Marker für die Zulassung von Maispopulationssorten

Büttner B<sup>1</sup>, Eder B<sup>1</sup>, Eder J<sup>1</sup> & Schweizer G<sup>1</sup>

*Keywords: approval of varieties, cob glume color, maize, population.*

### Abstract

*The genetic resource of adapted German maize landraces is threatened to get lost. Unsolved admission standards at the Federal Office for Plant Varieties are a main obstacle for breeders to use such material. Until now each application for admission has been rejected due to missing homogeneity. Therefore, population specific marker alleles should be developed and deposited at the Federal Office for Plant Varieties as further selection criteria. A first step is the development of markers for phenotypic apparent traits. We developed three markers for red and white cob glume color and used them for selection of two maize populations. The next step would be the development of non-genic markers. Although these markers have no phenotypic effects they also do not influence yield or other physiological important traits.*

### Einleitung und Zielsetzung

Genetische Ressourcen sind neben Boden und Wasser die wichtigste Grundlage für Landwirtschaft und Ernährung. Da historische Landsorten (Populationssorten) bei Mais in Deutschland seit ca. 1960 nicht mehr angebaut werden, drohen das Wissen über die Maislandsorten insbesondere aber die genetischen Ressourcen und damit regional adaptierte Zuchtmerkmale verloren zu gehen.

Ein Hemmnis bei der Nutzbarmachung dieser genetischen Ressourcen sind trotz zunehmender Nachfrage ungelöste Zulassungsbedingungen beim Bundessortenamt. Bislang wurde jeder Antrag auf Zulassung noch vor der amtlichen Prüfung aufgrund fehlender Homogenität von Landsorten abgelehnt. Populationssorten müssen, bedingt durch ihre genetische Diversität, heterogen sein. Im Projekt wird deshalb ein Hauptaugenmerk auf die Möglichkeiten der Sortenzulassung gelegt. Aufgrund der fehlenden Homogenität sollen für eine Anmeldung populationspezifische Markerallele als sichere Selektionskriterien zur weiteren Beschreibung der Sorte (Sortenmerkmal) entwickelt und hinterlegt werden. Erstes Ziel ist die Etablierung des einfach vererbten Registermerkmals „Spindelfarbe“, welches phänotypisch und über molekulare Marker selektierbar ist. In einem weiteren Schritt sollen nicht genbasierte Marker zum Einsatz kommen, da sie i.d.R. keinen Einfluss auf Ertrag und physiologische Merkmale haben.

### Methoden

Es wurden Markern für das *P1*-Gen für die Anthocyanfärbung der Spindel etabliert durch Testen beschriebener Markern und Entwicklung eigener Assays. Mit den identifizierten Markern konnten die LfL-Populationssorten 6808 und 6806 auf weiße (6808) bzw. rote (6806) Spindelfarbe markergestützt selektiert werden. Dazu wurden jeweils 400 Maispflanzen einer Population in Hanfisololation angebaut und mit den entwickelten Markern (phi095, umc2097, umc2096) im Labor untersucht. Die Pflanzen

---

<sup>1</sup> Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Am Gereuth 2, 85354 Freising, Deutschland, Bianca.Buettner@lfl.bayern.de

mit der unerwünschten Spindelfarbe wurden markergestützt im Feld entfernt, so dass nur noch die Pflanzen mit der selektierten Spindelfarbe gemeinsam abblühen konnten. Das geerntete Saatgut sowie das Ursprungsmaterial wurden in Isolierparzellen ausgesät, Kolben geerntet und der Anteil der roten und weißen Spindeln ermittelt.

### Ergebnisse und Diskussion

In der Literatur ist das *P1*-Gen für die Anthocyanfärbung der Spindel beschrieben (Xie et al. 2013). Es wurden die drei SSR-Marker phi095, umc2097 und umc2096 in der chromosomalen Region des *P1*-Gens aus der Datenbank MaizeGDB in einer Auswahl von jeweils 12 Pflanzen aus 16 Populationen mit bekannter Spindelfarbe getestet. Die Unterscheidung in rot und weiß ist populationsabhängig mit einzelnen Markern möglich, aber kein Marker funktioniert diagnostisch in allen getesteten Populationen. Die Entwicklung von Selektionsmarkern innerhalb des *P1*-Gens lieferte vier PCR-Produkte, die in je zwei Pflanzen mit roter und weißer Spindelfarbe resequenziert und hierbei drei SNPs identifiziert werden konnten. Die SNP-Marker waren von den vier Pflanzen jedoch nicht auf die ganze Population übertragbar. Daher wurde die Selektions-PCR in den Populationen 6808 und 6806 mit dem SSR-Marker phi95 durchgeführt. Am Ende der Wachstumsaison 2015 wurden die Kolben der selektierten Pflanzen beider Populationen geerntet, die Spindelfarbe erfasst und mit den Ergebnissen der Markeranalyse verglichen (Tab 1).

**Tab. 1: Marker gestützte Selektion auf Spindelfarbe, Ergebnisse 2015**

Population	6806	6808
Verhältnis	87 % rot,	38 % weiß,
Spindelfarbe (2014)	13 % weiß N = 146 Spindeln	62% rot N = 95 Spindeln
Selektion auf	rot	weiß
Markeranalyse	219 Pflanzen rot (54%)	51 Pflanzen weiß (13%)
Überprüfung	6 Pflanzen weiß (Markeraussage negativ)	2 Pflanzen rot (Markeraussage negativ)
Fehlstellen/Ausfälle	18 Pflanzen	3 Pflanzen

Das Verhältnis der Spindelfarbe hat sich deutlich verschoben - waren es in 2014 bei den selektierten Kolben 87 % mit roter und 38 % mit weißer Spindelfarbe, so waren es im Feld nur 54 % mit roter und 13 % mit weißer Spindelfarbe. Die Markeranalyse hat gut funktioniert. Bei der Markerselektion auf rote Spindeln wurden 3 % falsch selektiert, bei der Selektion auf weiße Spindelfarbe waren es 4 %. Die Kolben wurden gerebelt und die Körner der gewünschten Spindelfarbe im Anbaujahr 2016 erneut ausgesät, um die Verschiebung der Spindelfarbe je Population zu überprüfen.

Genkodierende Marker haben den Nachteil, dass sie möglicherweise einen Einfluss auf Ertragsverhalten oder auf andere physiologische Eigenschaften haben. Daher soll im Weiteren die Identifizierung nicht-gencodierender Markern geprüft werden, deren Effekte phänotypisch dann nicht mehr erfassbar sind.

### Literatur

Xie C, Wenig J, Liu W, Zou C, Hao Z, Li W, Li M, Guo X, Zhang G, Xu Y, Li X & Zhang S (2013) *Zea mays* (L.) *P1* locus for cob glume color identified as a post-domestication selection target with an effect on temperate maize genomes. *The Crop Journal* 1: 15-24.